



SAMS Information

The University of Tokushima Graduate School, Institute of Health Biosciences,
Support Center for Advanced Medical Sciences (SAMS)

No. 87
2014/7/10

第99回 HBS研究部 先端医研テクニカルセミナー

MassARRAYを用いたSNPジェノタイピング

総合研究支援センター 先端医療研究部門では、皆様の研究にお役に立つようなテクニカルセミナーをシリーズで開いております。

今回は、前日に続きまして、当部門で導入するシーケノム社のMassARRAY による効率的SNP ジェノタイピング・セミナーを開催します。多数の皆様のご参加をお待ちしております。

日 時 : 平成26年7月23日(水) 15:15 ~ 16:05
場 所 : 第一カンファレンス室(医学基礎A棟1階西)
講 師 : 岩間 裕之(シーケノム(株)シニアサイエンティストアプリケーション&テクノロジー)

プログラム

15:15 ~ 15:20 はじめに 先端医療研究部門 部門長 井本 逸勢
15:20 ~ 16:05 MassARRAYを用いたSNP ジェノタイピング 岩間 裕之

概 要

近年、次世代シーケンサーによるゲノム解読が進み、さまざまな疾患要因としてゲノムDNA上のSNPが注目されております。既に当大学でもさまざまなプラットフォームを用いてSNP解析がなされておりますが、今回導入するMassARRAYはGWAS後のファインマッピング、マルチプレックスアッセイを用いたスループットの高いSNPジェノタイピングを可能にします。

また、アグリバイオにおいてはDNAマーカーを用いたゲノム育種や品種検定などの研究が進んでおり中でもSSRマーカーなどからより細かく識別できるSNPマーカーの開発へ取り組みがなされています。さらには、農作物における倍数体では通常解析の難しいバリエーション解析もパワフルなMassARRAYを活用することで定量的な解析も可能になります。

今回は医学分野だけでなくアグリバイオにおけるMassARRAYを用いたSNPタイピングと題して、論文報告例を交えながらアプリケーションをご紹介いたします。



- MassARRAYのマルチプレックスSNPジェノタイピングとは?
- 疾患GWAS後の効率的ファインマッピング
- MassARRAYを用いた新しい遺伝子検査法の開発
- SNPを用いた農産資源のゲノム育種
- 植物の倍数体解析

